

## Align two sequences

Mon Mar 21 03:24:27 "GMT 2005

```

/usr/tmp/seq1.100209.sca : 432 aa
>/usr/tmp/seq1.100209 [Unknown form], 432 bases, 432 aa vs.
>/usr/tmp/seq2.100209 [Unknown form], 446 bases, 446 aa
scoring matrix: . gap penalties: -12/-2
80.2% identity; Global alignment score: 2357

      10      20      30      40      50
/usr/t MFQPLDADFIESAPLKKWPLNLPP-LKIAVANWGWDEIEKKFKKSVLYFILSQHYTITLH
      :::::::::::  . . .  :: :::::::::::  :::::::::::  :::::::::::
/usr/t MFQPLDAYVESASIEKMAKSPPLPKIAVANWGWDEIEKKFKKSVLYFIFSQRYTIALH
      10      20      30      40      50      60

      60      70      80      90     100     110
/usr/t RNPDKPADIVFGNPLGSARKILSYQNAKRVVYTTIGENEVPNPLFDYAIGFDELDPRDRL
      . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . .
/usr/t QNPNEFSDLVFSNPLGSARKILSYQNAKRVVYTTIGENEVPNPLFDYAIGFDELDPRDRL
      70      80      90     100     110     120

     120     130     140     150     160     170
/usr/t RMPLYYAYLHYKAEIVNDTTSFYKLQPDLSYALKKPSHHFKENHPNLCAVNNESDPLKR
      :::::  :::::  :::::::::::  . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . .
/usr/t RMPLYYDRLHHKAESVNDTTSFYKLKDNSLYTLKKPSHQPKENHPNLCAVNNESDPLKR
     130     140     150     160     170     180

     180     190     200     210     220     230
/usr/t GFASFVASNPAPRRNAFYALNAIEPVAGGGSVKNTLGYNVKKNKSEFLSQVKFNLCFEN
      : . . . . . : : : . . . . . : . . . . . : . . . . . : . . . . .
/usr/t GVVSFVASNANAPMRNAFYDALNSIEPVTGGGSVKNTLGYNVKKNKSEFLSQVKFNLCFEN
     190     200     210     220     230     240

     240     250     260     270     280     290
/usr/t TQGYGYVTEKIIDAYFSHTIPYWGSPSVAKDFNPKSPFVNVDPMNFDRAIDYIRYLHTH
      . . . . . : . . . . . : . . . . . : . . . . . : . . . . . : . . . . .
/usr/t SQGYGYVTEKILDAYFSHTIPYWGSPSVAKDFNPKSPFVNVDPMNFDRAIDYIRYLHTH
     250     260     270     280     290     300

     300     310     320     330     340     350
/usr/t PNAYLDMHYENPLNTIDGRAYFYQNLSPFKKILDFFKTILENDTIYHNP--FIFPYRLNLE
      :::::::::::  :::::::::::  :::::::::::  :::::::::::  . . . . . : . . . . .
/usr/t PNAYLDMHYENPLNALDGKAYFYQDLSPFKKILAFFKTIENDTIYHKSSTFSFMCWCDLDE
     310     320     330     340     350     360

     360     370     380     390     400
/usr/t PVSIDGLRVNYDDLVRNYDDLVRNYDDLVRNY-----ERLLQNASPLLEL
      : . . . . : . . . . : . . . . : . . . . : . . . . : . . . . : . . . .
/usr/t PLASIDDLRVNYDDLVRNYDDLVRNYDDLVRNYDDLVRNYDDLVRNYERLLQNASPLLEL
     370     380     390     400     410     420

     410     420     430
/usr/t SQNTTFKIYRKAYQKSLPLLRIRRWKK
      :::::::::::  . . .
/usr/t SQNTSFKIYRKAYQK--PI-KNPYPYCAP
     430     440

```

Elapsed time: 0:00:00

Exhibit A